EFECTO DE LA CONSANGUINIDAD SOBRE LOS PARÁMETROS DE LA FUNCION DE CRECIMIENTO LINEAL EN CERDOS IBÉRICOS

J. Rodrigáñez, L. Silió, M. Toro y M.C. Rodríguez
Departamento de Mejora Genética y Biotecnología, INIA, Madrid

INTRODUCCIÓN

El efecto negativo de la consanguinidad sobre los caracteres reproductivos y productivos está ampliamente documentado en animales y plantas. La depresión consiste en la disminución del valor medio de un conjunto de líneas consanguíneas, aunque como consecuencia de la deriva de las frecuencias génicas, el efecto puede ser muy desigual en cada una de ellas (Falconer y Mackay, 1996). Cuando la consanguinidad se genera a lo largo de varias generaciones, los efectos de la selección (natural y artificial) sobre la homocigosis real y sobre la probabilidad de fijación de alelos favorables resultan inevitables dando lugar a estimas conservadoras. Todo ello, junto a la disparidad de métodos estadísticos empleados, hace que las estimas de depresión consanguínea en animales domésticos presenten una notable dispersión entre las diferentes poblaciones, como muestra la revisión realizada en cerdos por Jhonson (1990). En el presente trabajo, se analizan los resultados de una experiencia de consanguinidad forzada en tres poblaciones de cerdo ibérico, basada en la comparación de animales procedentes de cruces entre hermanos y testigos, cuyo objetivo era evaluar las consecuencias de eventuales cuellos de botella en las mismas. La reducida información disponible hace particularmente aconsejable la utilización del procedimiento bayesiano de análisis de funciones de producción propuesto por Varona *et al.* (1997).

Tabla 1. Número de cerdos (*n*) y consanguinidad media ($\overline{F}$, %) en los grupos de animales experimentales y sus parentales

Estirpe	*Guadyerbas*		*Gamito*		*Torbiscal*	
	n	$\overline{F}$	*n*	$\overline{F}$	*n*	$\overline{F}$
Padres	17	21,82	18	30,44	21	7,33
Madres	32	21,15	30	30,15	42	7,39
Hijos						
# Consanguineos (C)	32	40,45	31	47,29	41	30,29
# Testigos (T)	39	24,63	36	31,66	50	8,38

MATERIAL Y MÉTODOS

Los animales analizados pertenecen a las estirpes *Guadyerbas, Gamito* y *Torbiscal*, cuyo origen y relaciones genéticas han sido previamente descritos (Rodrigáñez *et al.*, 1998). Para la obtención de estos animales, cada verraco se cruzó con una hermana y con otra cerda mínimamente emparentada entre las de su estirpe. En cada una de las camadas resultantes (consanguíneas y testigos) se eligió 1 macho y 1 hembra, que se pesaron mensualmente entre los 50 y los 240 días. La experiencia se realizó a lo largo de 4 parideras con un total de 229 animales controlados (Tabla 1), con promedio de 7,05 registros / individuo. La genealogía considerada incluye a los abuelos de los animales experimentales con 559 entradas animal-padre-madre.

El procedimiento de Varona *et al.* (1997) supone considerar caracteres distintos a cada uno de los parámetros de la función de producción. En esta aplicación, el modelo de producción asumido fue una función de crecimiento

lineal entre 50 y 240 días, considerando como intercepto *a* el peso a 120 d y siendo la pendiente *b* , ganancia diaria en el citado periodo, el segundo parámetro de la función. El peso y_{ij} del animal *i* registrado a los x_{ij} días se considera una muestra de la distribución normal : $y_{ij}|a_i, b_i, \sigma_r^2 \sim N\left(a_i + b_i x_{ij}, \sigma_r^2\right)$, siendo a_i, b_i los parámetros de la función lineal correspondiente al animal *i* y σ^2_r la componente de la varianza no explicada por la función lineal.

El modelo animal bivariado empleado en el análisis de estos caracteres asume fuentes de variación genéticas y ambientales e incluye como efectos sistemáticos : sexo (2 niveles), grupo*estirpe (2 niveles de consanguinidad x 3 estirpes) y paridera (4 niveles).

La obtención de las distribuciones marginales posteriores (d.m.p.) de los parámetros de interés, se realizó mediante muestreo de Gibbs con cadena de longitud 2,050.000, de las que se descartaron las 50.000 muestras iniciales, y reteniendo una proporción 1/200 de las siguientes con un total de 10.000 muestras. Otros detalles del análisis post-Gibbs pueden encontrarse en Rodriguez *et al.*, (1996). Como referencia se realizó un análisis alternativo, con el mismo modelo y condiciones de muestreo, a partir de los pares de valores a_i, b_i calculados previamente para cada animal controlado, mediante regresión peso / edad.

RESULTADOS

En la Tabla 2 se resumen los estadísticos de las d.m.p. de las heredabilidades y correlación genética entre los parámetros de la función lineal de crecimiento, así como de la componente de varianza no explicada por la función lineal, cuya media posterior es 10,535 kg ^{2}. Los valores de los estadísticos de dispersión, desviación típica posterior e intervalo del 95% de máxima densidad posterior, reflejan la incertidumbre respecto a los cocientes de (co)varianzas genéticas, resultante de la escasez de los datos disponibles.

Tabla 2. Estadísticos de las d. m. p. de las heredabilidades y correlación genética de los parámetros de la función de crecimiento lineal (intercepto, *a* y pendiente *b*) y de la componente de varianza no explicada por la función (σ_r^2)

	Media	Moda	d.t.	Intervalo 95% MDP
h_a^2	0,455	0,385	0,157	0,155 - 0,760
h_b^2	0,434	0,461	0,165	0,117 - 0,756
r_u	0,942	0,990	0,062	0,824 - 0,999
σ_r^2	10,535	10,498	0,439	9,750 - 11,450

Un segundo resultado del análisis son las d.m.p. de las diferencias entre los efectos sistemáticos para los dos caracteres considerados. Así por ejemplo, la media (y desviación típica) posterior de la diferencia entre machos y hembras fue, para el peso a 120 d : 1,70 kg (0,53) y 0,021 kg/d (0,007) para el crecimiento diario. El efecto de la consanguinidad sobre ambos caracteres puede estimarse a partir de las diferencias entre los grupos de animales consanguíneos y testigos de cada una de las estirpes. Los estadísticos de las correspondientes d.m.p. se presentan en las Tablas 3 y 4, que reflejan en las tres estirpes un efecto negativo de la consanguinidad sobre ambos caracteres de crecimiento.

La comparación de la magnitud de la depresión en las tres estirpes debe hacerse reescalando los efectos de acuerdo con las diferencias de consanguinidad entre los correspondientes grupos C y T. Expresados como efectos de un 10% de incremento de *F*, las correspondientes medias (y d.t.) de

la depresión del peso a 120 d. son -1,70 kg (0,64) en *Guadyerbas*, -1,14 (0,65) en *Gamito* y -2,68 (0,42) en *Torbiscal,* siendo los valores equivalentes para el crecimiento diario en el período analizado serían. -0,016 (0,008), -0,010 (0,008) y -0,031 (0,005) kg/d.

Tabla 3. Estadísticos del efecto de la consanguinidad sobre el intercepto *a* (Peso a 120 d, kg) de la función de crecimiento lineal estimado en tres estirpes de cerdo ibérico

			Diferencias entre grupos C y T				
Estirpe		Media	Media	Moda	Mediana	d.t.	Prob <0
Guadyerbas	C	41,31	-2,69	-2,56	-2,67	1,02	0,997
	T	44,00					
Gamito	C	40,71	-1,78	-1,81	-1,77	1,02	0,962
	T	42,48					
Torbiscal	C	43,20	-5,87	-5,63	-5,81	0,92	1,000
	T	49,07					

Tabla 4. Estadísticos del efecto de la consanguinidad sobre la pendiente *b* (Crecimiento diario entre 50 y 240 d, kg/d) de la función de crecimiento lineal estimado en tres estirpes de cerdo ibérico

			Diferencias entre grupos C y T				
Estirpe		Media	Media	Moda	Mediana	d.t.	Prob <0
Guadyerbas	C	0,392	-0,026	-0,030	-0,026	0,013	0,975
	T	0,418					
Gamito	C	0,382	-0,016	-0,017	-0,016	0,013	0,881
	T	0,398					
Torbiscal	C	0,414	-0,069	-0,067	-0,069	0,012	1,000
	T	0,484					

El empleo de un análisis más convencional, con cálculo previo de los parámetros de regresión lineal individual, produce resultados similares con discrepancias de escasa entidad: valores más elevados de las medidas de dispersión (d.t. e intervalos 95%MDP) en la estimación de parámetros genéticos y de la depresión consanguínea, así como diferencias algo mayores entre estirpes en los valores medios estimados del efecto de la consanguinidad sobre ambos caracteres.

AGRADECIMIENTO

Nuestra gratitud a Luis Varona que nos ha facilitado amablemente sus programas de muestreo de Gibbs.

REFERENCIAS

Falconer D.S. y T. F. C. Mackay, 1996. *Introduction to quantitative genetics*, Longman
Jhonson R.K. 1990. En *Genetics of swine* (Ed. L.R. Young) pp :107-109, USDA
Rodrigáñez *et al.*, 1998. *ITEA* Vol. Extra (en prensa)
Rodriguez *et al.*, 1996. *Animal Science* 63 : 243-253.
Varona *et al.*, 1997. *Livestock Production Science* 47 : 201-209.